

UNE MÉTHODE SIMPLIFIÉE DE TRAITEMENT « EN VRAC » POUR DÉTECTER LES MAUVAIS ÉTIQUETAGES DANS LES COLLECTIONS DE MATÉRIEL GÉNÉTIQUE DU CACAOYER

Maria Rafaela de Andrade Reis^{1,2}, Karina Peres Gramacho², Didier Clement^{2,3} et Uilson Vanderlei Lopes²

¹ FAPESB Beginner on Science Scholarship,

² Cacao Research Center (CEPEC/CEPLAC), Rod. Ilhéus-Itabuna, km 22, 45600-970, Itabuna, BA, Brésil.

³ CIRAD, UMR AGAP, F-34398 Montpellier, France.

E-mail: mrafaella@hotmail.com

RESUME

Les erreurs d'étiquetage sont un problème courant dans toutes les grandes collections de matériel génétique de cacaoyer dans le monde, avec des occurrences pouvant aller jusqu'à 40 % dans certaines collections, ce qui peut réduire de façon spectaculaire le gain génétique potentiel réalisé par la sélection. Les erreurs d'étiquetage peuvent se produire par mauvaise identification du même clone avec des noms différents, ou de clones différents avec le même nom. En plus de ces types d'erreurs d'étiquetage, fréquemment, dans la même rangée d'une accession particulière, on trouve différents génotypes. Les marqueurs moléculaires jouent un rôle important en aidant les conservateurs de matériel génétique et les sélectionneurs à faire disparaître les erreurs d'étiquetage dans les collections de matériel génétique. L'approche actuellement utilisée consiste à faire une caractérisation moléculaire individuelle d'un ou quelques arbres par rangée ou accession. En utilisant cette approche, les erreurs d'identification au sein de l'accension sont totalement ou partiellement ignorées. Dans cette étude, une stratégie de traitement « en vrac » a été testée pour évaluer sa capacité à détecter des erreurs d'étiquetage au sein d'une accession. La stratégie de traitement « en vrac » consiste à collecter des disques foliaires de chaque arbre dans l'accension et à les mélanger (« vrac ») pour faire une extraction de l'ADN. Ensuite, des marqueurs SSR (ou autres) spécifiques à cette accession sont utilisés pour génotyper l'ADN en vrac. Dans cette étude, environ 40 disques foliaires (diamètre = 0,6 cm) de IMC-67, ICS-6 et Sca-6 ont été mélangés dans différentes proportions allant de 1:0:0 à 19:1:0 pour les trois clones, et les mélanges ont fait l'objet d'analyses des empreintes génétiques, en utilisant deux amorces SSR (mTcCIR-33 et mTcCIR-233) sur du gel de polyacrilamide coloré à l'argent. Il a été observé que même lorsqu'une erreur sur un seul arbre (ou un seul disque foliaire) se produit avec 16 résultats corrects, dans le mélange, elle peut être détectée par notre approche en vrac. Par conséquent, les rangées de matériel génétique avec des accessions mixtes peuvent être identifiées avec une seule analyse d'ADN. Comme la plupart des collections de matériel génétique mondiales gardent moins de 10 à 15 arbres par accession, la méthode peut être praticable pour l'identification des erreurs d'étiquetage au sein d'une accession. Une autre utilisation potentielle de la méthode « en vrac » est l'élimination des erreurs d'importants essais de descendants, des populations de cartographie et des champs semenciers.